

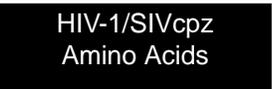
HIV-1/SIVcpz
Amino Acids

	myristoylation	MHC-1 downregulation + protein kinase recruitment	N-terminal alpha-helix	heart of CD4 binding site	acidic cluster	SH3-binding	PKC	polypurine tract	PAK binding													
B. FR. HXB2	MGGKWSKSS	VIGWPTVRERMRRAE	PAADRVGAA	SRDLKHGAI	TSSNTAAT	NAACAWLEAQ	EEE	EVGFVPTPQVPLRPMTYKA	AVDLSHFLK	EKGLEGLIHSQR	RQ	DILD	111									
CONSENSUS A	-----iv-e	---i-tp?????????	---kg	-v-q-d	-v-?	---i??nhps	-----??-?	---r	---g-f	---	-d-y-rk	-E	109								
A. FR. HIV232956	-----IV--DI	----TP	-----TG	-v-q-d	-y-v	-I	.NHPS	-----D-	---	-F-g-l	---	-d-y-r	-E	109								
A. FR. HIV232957	-----IV--EI	---I-TPPGRTP	-rg	-v-q-d	-v-in	-T-Q-S	-----QDE	---	-F-g-f	-F	-D--y-k-r	-E	117								
A. FR. HIV232959	-----IV--E	---KI-HTPPAA	-kg	-v-q-d	-y-in	-Q-S	-----E-L	---	-F-g-f	-F	-D--y-k	-E	114								
A. KE. Q23-CXC-CG	-----IV--EI	---PPG	-v-q-d	-v-k-i	.NHPSY	-----D	---	-G	---	---	-D--vy-rk	-E	109								
A. SE. SE6594	-----IV--EI	---PSA	-pg	-v-q-a	-v-i	.N-PS-V	-----D	---	-R	---	-D--y-rk	-E	110								
A. SE. SE7253	---S-----IV--RE	---L-QTLA	-rg	-v-q-y	-v-v	.NHPS	-----D	---	-R-H	---	-D--y-r	-E	109								
A. SE. SE7535	---R-----IV--E	---I-PTG	-v-q-d	-y	-I	.NHPS-V	-----D	---	-G	---	-D--vy-kk	-E	109								
A. SE. SE8131	---N-----E	---I-Q-RAPAHTPAPT	-tg	-v-q	-I	.NHPS-T	-----AQ-D	---	-R	---	-D--y-rk	-E	115								
A. SE. SE8538	---R-----KE--SE	---KI-QTPKG	-v-q-dr	-I	.NHPS-T	-----D	---	-K	---	-G-F	-D--y-rk	-E	109								
A. SE. SE8891	---R-----IV--K	---A-TPKG	-v-q-d	-v-i	.NHPS-V	-----D	---	-R	---	-G	-D--y-r	-E	109								
A. UG. 92UG037	---N-----C--IV--E	---I-QTPTAARERTRQAPT	-kg	-v-q-d	-v-v	.NHPS-V	-----D	---	-R	---	-F-GF	-D--y-kk	-E	120							
A. UG. U455	---K-----RVE--E	---K-ETPA	-kg	-v-q-d	-y-v	-SS	-----S	---	-G-D	---	-F-F	-D--k	-E	111							
CONSENSUS B	---r-m?	-----????????????	-----G	-v	-d	-?	---	---	---	-l	---	-y-k	-?	110								
B. AU. MBC925	---TF	-----G	-----E	-TN	-D	---	---	---	---	-D	---	-K	-Y-K	111								
B. CN. PRC8	---R--MV--S	---K-QAADGKRAEQ	-g	-v	---	---	---	---	-A-D-V	---	-F-L	-Y-K	118								
B. CN. RL42	---H--MF--S	---K	-----G	-v	---	---	---	---	---	-R	---	-G-L	-R	111								
B. DE. D31	---V--AI--K	-----EG	-v	---	---	---	---	---	---	-P	---	-K	-V-K	111								
B. DE. HAN	---C--S	---AI-KQPE	-g	-v	-K	-TN	-----E	---	-R	---	-G-L	-Y-PK	-E	111							
B. DE. HEI4BL	---M-----D	---AI-DVG	-g	-v	-N	-D	-----G	---	-R	---	-N-D	-W-K	111								
B. ES. 89SP061	---K-----K	-----G	-v	---	---	---	---	---	---	-TN	-D	-G-L	-W-K	111								
B. ES. AF082386	---R-----A	---PAADGGRRRAE	-g	-v	-DR	---	---	---	-D	-D	-R	-D	-Y-HK	120							
B. FR. NE100	---N--MS--T	---I-Q	-----G	-v	---	---	---	---	---	-R	---	-RR-I	-R	-V-K	-E	111						
B. FR. SWB884	---MS--AI--K	-----G	-v	---	---	---	---	---	---	-R	---	-RR-I	-R	-D-V-K	-E	111						
B. GA. OYI	---C--MK--I	---K-LQPPE	-eg	-v	-D	---	---	---	-D	---	-R	-G-L	-Y-K	116							
B. GB. GLNEF1	---L--G	-----G	-v	---	---	---	---	---	---	-K	---	-TN	-A	109								
B. GB. MANC	---R--K	---KQVDPAAEEGRKKQAE	-eg	-v	-D	---	---	---	-D	---	-R	-F-G-L	-R	-VY-K	122						
B. IN. HIVP35A	---K--MG--A	---I-TDPAERIRQPE	-ag	-v	-R	-D	-----D	---	-D	-D	-R	-G-L	-RK	-I-Y-K	120						
B. IT. B.IT-R4	---R--MA--SHL	-----G	-v	---	---	---	---	---	---	-P-N-D	---	-GE	-R	-G	112							
B. KR. AF063915	---RG--P--N	---I-D-T	-----EG	-v	---	---	---	---	---	-QR	-T	-SN-PD	---	-R	-G-L	-Y-K	111					
B. KR. HIV298034	---N-----V--A	---I-PA	-tg	-v	-Q	-DI	-----D	---	-SS	---	-DI	-VY-K	112								
B. NL. ACH3202A21	---N-----V--AI	---K	-----G	-v	---	---	---	---	---	-D	---	-D	-K	-G-L	-Y-K	111						
B. NL. NEFE	---R--RVE	---PVRERRAE	-eg	-v	-TN	---	---	---	-D	---	-D	-R	-F	119							
B. SE. AF047085	---C--V	---K	-----P	-g	-v	-G	-TN	-D	---	-D	-N	-R	-G	-F	-Q	111						
B. SE. AF047082	---Q-----Q	---PAVE	-vg	-v	-Y	-D	-----D	---	-R	---	-R	-L	-Y-K-R	-E	112						
B. SE. AF047083	---R--I--MV	---T	-----G	-v	---	---	---	---	---	-N	-D	---	-R	-G	-Y-K	111						
B. TH. AF082838	---G--K	---I-K	-----G	-v	---	---	---	---	---	-L	---	---	-K	-G-L	-VY-K	111						
B. TH. AF082839	---R--GG--NA	---T-P	-----G	-v	-q	-G	-L	-P-N-D	---	-D	---	-R	-G	-L	-HK	110						
B. TH. AF082841	---V--DGW--AI	---Q-PRERRQQVE	-ag	-v	-RY	-T	-P-N-D	---	-D	-D	-R	-F	-D	-IVF-K	119						
B. TH. 28-19	---A--F--G--A	---QPETRRRRPTQQPATE	-----VG	-v	---	---	---	---	---	-E	-D	-R	-S	---	-K	-G-L	-RK	-I-Y-K	-E	125		
B. TW. LM49	---R--IP--SNI	---I-Q-PA	-g	-v	---	---	---	---	-D	---	-D	-R	-G-I	-RKE	-VY-KKEX	113					
B. US. JRFL	---R--P--S	---PAADRVRTE	-vg	-v	---	---	---	---	-D	---	-D	-R	-G	121							
B. US. MNCG	---R--T	---PAEL	-g	-v	-L	-D	-----D	---	-K	---	-L	-D	-Y-K	113							
B. US. NEF226B	---PK--IF--S	-----G	-v	---	---	---	---	---	---	-N	-V	-V	---	-R	-V	-M	-M	-Q	109			
B. US. P102A13	---PR--S--SA	---PAE	-eg	-v	-N	-R	-S	---	-D	---	-R	---	-L	---	-L	---	-E	114			
B. US. RF	---K--MG--A	---QK	-----G	-v	---	---	---	---	---	-T	---	-N	-T	-ED-DE	-R	-F	---	-D	-VF-K	113		
B. US. SF2	---R--MG--SAI	---PRAE	-g	-v	---	---	---	---	-D	---	-R	---	-L-I	---	-W	---	-E	115			
B. US. WEAU160	---I--R--GS--AI	---K	-----EG	-v	-A	---	-E	-N-D-V-K	---	-D	---	-R	---	-H	-X	---	-Y-K	109				
CONSENSUS C	---c-iv-a?	---t-????????	---eg	-g	-d	-y-l	-d	---	-d	---	-e	-r	---	-g-f	-f	---	-Y-kk	-e	110		
C. BR. 92BR025	---N--C--TV--R--AI	-----EG	-p	-q	-sd	-y	-l	-s	-p	-n	-d	---	-Q	-E	-R	-V	-F	-E	111			
C. BW. 96BW01B21	-----IV--A	---I-T	-----EG	-t	-q	-d	-y	-l	-t	-DPN	---	-R	---	-G	-R	---	-G-F	-GF	-Y-KK	-E	112	
C. BW. 96BW0402	-----IV--A	---T	-----EG	-t	-q	-d	-y	-l	-t	-N	---	-E	-R	---	-E	---	-F	---	-I	-Y-KK	-E	112
C. BW. 96BW15B03	-----IV--A	---I-T	-----EG	-q	-d	-y	-f	-SN	-D	---	-AD	-R	---	-G	-F	---	-SN	-D	-Y-PK	-E	112	
C. BW. 96BW16B01	-----A	---TRGYQ	-d	-dr	-L	-DIN	-A-CAPQE	---	-D	---	-R	---	-E	-F	---	-F	---	-D	-Y-KK	-E	101
C. BW. 96BW17A09	---X--R--IV--N	---I-TNPLTEREAEER	-vg	-q	-d	-L	-P-N-D	-Q	---	-DE	-R	---	-R	---	-F	---	-P-N-D	-Y-KK	-E	120	
C. ET. ETH2220	---TM--C--PV--AI	---I-A	-----EG	-d	-y	-L	-P-N-PD	-Q	---	-E	-R	---	-R	---	-F	-L	---	-D	-Y-KK	-E	112	
C. FR. HIV232966	---S--C--PV--A	---I-T	-----EG	-q	-d	-y	-L	-P-N-D	---	-Q	-EG	-K	---	-F	-G-F	-F	---	-Y-R	-E	112		
C. FR. HIV232973	-----IV--A	---D-I-TD	-----EG	-q	-d	-y	-L	-N	-T-KD	---	-Q	-EG	-R	---	-W	---	-Y-KK	-E	112			
C. FR. HIV232979	---SA--C--PV--AI	---Q-PA	-eg	-v	---	---	---	---	-DRR-PL-IN	-P-S	---	-MV	---	-E	-R	---	-G-F	-F	-Y-KK	-E	113
C. FR. HIV232980	---N--C--PV--A	---TVPEAERAG	-vg	-q	-d	-L	-P-N-D	---	-E	-R	---	-R	---	-F	---	-D	-TY-K	-E	118		
C. FR. HIV232996	---S--C--PV	---QTNPA	-eg	-q	-d	-y	-l	-t	-P-N	-D	---	-GG	-R	---	-G-F	-F	---	-Y-K	-E	114	
C. IN. 21068	---C--IV--DI	---T	-----EG	-q	-dry	-L	-T	-DT-TE	---	-G	-R	---	-F	-G-L	-F	---	-Y-KK	-E	104			
C. IN. 301904	---C--IV--DI	---TQ	-----EG	-q	-d	-y	-L	-DI-PD	-K	---	-E	-R	---	-F	-E	-F	---	-Y-KK	-E	112		

	myristoylation	MHC-1 downregulation + protein kinase recruitment	N-terminal alpha-helix	heart of CD4 binding site	acidic cluster	SH3-binding	PKC	polypurine tract	PAK binding																						
B. FR. HXB2	MGGKWSKSS	VIGWPTVRERMRRAE	PAADRVGAA	SRDLKHGAI	TSSNTAAT	NAACAWLEAQ	EEE	EVGFVPTPQVPLRPMTYKAAVDLSHFLKEKGGLEGLIHSQRRO	DILD	111																					
C. IN. 301999	C-IV-A	T	EG	Q-D-Y-L	DT-D	R	E	R	F-G-F-F	Y-KK-E	112																				
C. IN. 94IN11246	C-IV-EI	TQ	G	Q-D-Y-L	DT-D	RT	E	R	F-G-F-F	Y-KK-E	112																				
C. IN. HIVY15117	C-IV-DI	T	EG	Q-D-Y-L	DT-D		DG	A-R	G-F-F	E-A-Y-KK-E	104																				
C. IN. HIVY17884	IV-AI	TP	AAE	EG	Q-DR-L	DT-D	DE	R	F-G-F-F	Y-KK-E	116																				
C. IN. HIVY17891	C-IV-AI	T	EG	Q-D-L	DT-D	RT	E	R	F-G-F-F	Y-KK-E	112																				
C. IN. HIVY17892	IV-AI	K-Q	EG	Q-D-Y-L	DT-D	R	EG	R	F-G-F-F	Y-KK-E	112																				
D. CD. 842R085	IV-AI	I-KTDPRE	RRRPE	G-V	R	T	DE	R		RK-VY-K	120																				
D. CD. ELI	IV-AI	I-TN	G	V	S	D	SD	R	E-L	W-KK-E	112																				
D. CD. NDK	LV-AI	I-KTD	G	V	S	DT	SE	R	E	W-KK-E	112																				
D. UG. 94UG1141	IV-A	T	EG	Q	D			R	E	VW-PK-E	111																				
F. CM. HIV232985	IV-N	TP	V	EG-KV-Q	D	R	DL	R		Y-KK-E	111																				
F. CM. HIV232986	IV-AI	I-TP	V	EG-V-Q	D-R	N-G	DL	R		Y-RK-E	111																				
F. FR. HIV232987	IV-A	TP	EG	V-Q	DRR	V	PDL	D		Y-KK-E	111																				
F1. BE. VI850	IV-A-G	QTP	T	EG-V	DRR	RT	PDL	R	V	Y-KK-G-T	111																				
F1. BR. 93BR020.1	IV-AI	TPP	TP	EG-V-Q	RR	R-N	PDL	D	R	Y-K-E	114																				
F1. FI. FIN9363	IV-AI	PP	PA	EG-V-Q	RR	G	PDL	D	R	G-F-Q-EX	Y-KK-E	112																			
F1. FR. MP411	IV-A	TP	EG	V-Q	DRR	V	PDL	D	R	F	Y-KK-E	111																			
F2. CM. MP255	IV-N		EG	KV-Q	D	R	DL	R		Y-KK-E	106																				
F2. CM. MP257	IV-AI	I	EG	V-Q	D-R	N-G	DL	R		Y-RK-E	106																				
CONSENSUS G	iv-a	i-gtP??	???	EG-V-Q	?r	tn	pd	dS	R	F	D	Y-KK-E	111																		
G. BE. DRCLB	N-RK	A-E	L	QHP	A	EG-V-Q	DR	R	G	PD	DS	D	VY-KK-E	112																	
G. FI. HH8793	R	R	A	I-QTP	IR	QPP	EG-V-Q	AR	TN	PD	DS	R	V	F	F	D	Y-KK-E	114													
G. ML. HIV232990	G. NG. 92NG083	IV-Q	I-TP	A	EG	Q	D	P	N	P	Q	DS	R	L	F	D	Y-KQ	112													
G. NG. HIV232991	IV-QI	I-QTP	V	EG-V-Q	AR	TN	PD	DS	R	F	D	Y	K				112														
G. NG. HIV232992	IV-R	A-I-TP	EG	F	Q	GR	G	PDS	Q	S	R	L	G	F	F	D	VY-KQ	P	112												
G. SE. SE6165	IV-A	I-QTP	V	EG	Q	AR	T	Q	DS	R	L	G	F	F	D	VY-KK-E	112														
H. BE. VI991	GC	IS	A	I-QT	EG	V-Q	DRR	V	IN	I	SN	DS	E	R	G	F	D	Y-KK-E	112												
H. BE. VI997	IV-A	I-Q	G	V	DRR	V	IN	PDV	AE	R	L	D	Y	KK	E			112													
H. CD. HIV232994	N	C	AI	I	QPAE	RIRQAE	EG	V-Q	SRR	V	IN	M	SN	PDS	P	E	R	F	F	Y-KK-E	118										
H. CD. HIV232995	L	F	S	AI	TRTAAE	GEEK	EG	V	DRR	V	VN	PDS	E	R	V	G	L	F	Y-KK-E	117											
H. CF. 90CF056	R	MG	S	I	Q	V	EG	V	DRR	V	IN	S	RDA	DGE	R	G	F	D	Y	KQ	112										
H. SE. SE9173	N	Q	D	A	PA	G	V	Q	A	DD	T	R	G	F	F	D	Y	KK	E	108											
J. SE. SE9280	N	Q	P	A	G	V	Q	A	D	T	K	I	G	F	F	D	Y	KK	E	108											
K. CD. EQTB11C	IV	S	KTP	G	V	Q	D	V	FN	PD	D	D	R	F	G	F	D	Y	KK	E	111										
K. CM. MP535	IV	AI	RPAAD	RVGTQ	G	V	Q	AR	V	SHN	PD	R	R	F	GF	D	Y	KK	E	120											
N. CM. YBF30	KI	LV	EI	QT	Q	EPAVE	V	GA	Q	ANR	IR	RDN	ESI	E	R	I	Q	F	F	D	VW	RK	117								
O. CM. ANP70C	NALR	GK	FE	AA	TRTF	PESE	C	PG	QI	E	AAR	G	P	H	PQN	L	F	SH	Q	A	G	F	F	D	Y	HK	A	E	117		
O. CM. MVP5180	NA	K	FA	SE	D	SSSD	PQQ	C	PG	V	E	ATR	G	S	H	PQN	L	F	DSH	KD	D	R	F	F	D	Y	HK	A	E	116	
CRF01_AE.CF.90CF40	C	IV	Q	I	QTPVAE	ERQTPA	EG	V	Q	D	V	I	N	DNV	R	G	F	F	D	Y	K	E							117		
CRF01_AE.FR.HIV232	S	IV	Q	KIEQTP	TEG	V	Q	D	V	M	N	DSV	R	D	G	R	G	F	F	D	Y	K	E							109	
CRF01_AE.FR.HIV232	IV	Q	IKQTP	TEG	V	Q	D	V	M	N	D	V	R	E	E	IR	G	F	F	D	Y	KK	E							111	
CRF01_AE.FR.HIV232	S	IV	Q	IKQTP	TEG	V	Q	D	V	M	N	D	V	G	G	R	F	E	F	F	D	Y	KK	E							109
CRF01_AE.TH.1-2	IM	Q	IKQTP	EG	V	Q	D	VV	M	N	D	I	R	G	R	F	E	F	F	D	Y	K	E							109	
CRF01_AE.TH.11-31	G	IV	Q	KIKQTP	TEG	I	Q	D	Y	V	M	D	D	V	R	E	K	EG	R	F	G	F	F	D	Y	K	E				111
CRF01_AE.TH.122-21	IV	Q	IKQTP	A	TEG	V	Q	DR	V	M	N	DSV	R	E	G	R	G	F	F	R	D	Y	K	E							109
CRF01_AE.TH.18-47	IV	Q	IKQTP	EG	V	Q	D	V	M	N	D	V	G	R	R	F	F	G	D	Y	KK	E								109	
CRF01_AE.TH.235-3	IV	Q	IKQTP	TEG	V	Q	D	V	I	N	D	V	R	R	R	G	F	F	D	Y	K	E								109	
CRF01_AE.TH.93TH25	IV	Q	IKQTP	EG	V	Q	D	V	M	N	D	V	R	R	G	R	G	F	F	D	VY	KK	E							109	
CRF01_AE.TH.98-4	S	P	Q	IKQTP	EG	V	Q	D	V	M	N	D	V	SS	G	R	G	F	F	R	D	VY	KK	E							105
CRF01_AE.TH.CM240	S	IV	Q	KIKQTP	TEG	V	Q	D	I	D	D	V	R	D	M	G	F	F	D	Y	KK	E								109	
CRF02_AG.FR.DJ263	IV	K	I	QTP	TG	Q	DR	D	D	D	D	D	D	R	F	GF	D	VY	KK	E										111	
CRF02_AG.FR.DJ264	LV	K	IIQTP	TG	Q	DR	E	D	D	D	D	D	D	K	G	F	GF	D	Y	KK	E									111	
CRF02_AG.NG.IBNG	IV	K	MK	QTP	T	TG	Q	DR	Q	PD	D	N	R	R	G															111	
CRF03_AB.RU.KAL15	IV	Q	I	P	A	RG	PV	Q	D	Y	V	N	D	R	R	G	F	X	D	Y	KK	E								112	
CRF04_cpx.CY.94CYO	IV	EI	RAEPER	MRRQAQAE	AG	V	Q	D	IN	PDKT	E	R	F	G	L	D	Y	KK	E											124	
CRF04_cpx.GR.97PVC	LV	AI	RAEP	AAQAE	AG	V	D	D	IN	PDK	DE	R	F	L	D	Y	KQ	E												120	
CRF04_cpx.GR.97PVM	N	A	RAEP	ARAE	VG	V	Q	D	Y	T	PDK	E	R	T																115	
CPZ.GA.CPZGAB	T	LV	E	R	I	E	P	T	EG	EV	K	R	R	PE	QTL	EM	DN	T	F	VY	R	E								111	
CPZ.US.CPZUS	N	IV	E	N	L	QTP	TTA	EG	PV	Q	AE	TR	PQN	QTL	DEM	TNH	S	R	Q	F	GF	VY	R	E						115	

	Beta turn	SH3-binding	COP recruitment	di-leucine	based AP recruitment	V-ATPase and Raf-1 binding					
B. FR. HXB2	LWIYHTQGYFP	D.QNYTPGGG	VRYPLTFG	WQKLVVPE	PKIEEA	NGKENTSL	LLHPVSLHGMDDEPE	REVLEWR	FDSRLAFHHVARELHPEYF	KNC	205
CONSENSUS A	--V-?	--W-----	?-----	d--ev-k--te--	N-----	icQ---	E-?	?-?-m-k---	lk-r-?	fy.-d-KTA	202
A. FR. HIV232956	--V-N-----	-W-----	T-----	F-----	D-VEV-K-	E-NC---	M-Q---	E--T-I-K---	LR-I-Q-M---	FY.-D-	204
A. FR. HIV232957	--V-N-----	-W-----	T-F-----	F-----	D-SEV---	TE-NC---	ICQ---	E-K--M-K---	S-RR-I-L-K---	FY.-E-	202
A. FR. HIV232959	--V-N-----	-W-----	T-F-----	F-----	D-ADV---	T-----	ICQ---	E-K--M-K---	S-RK-R-L-M---	FY.-D-	209
A. KE. Q23-CXC-CG	--V-N-----	-W-----	T-F-----	F-----	D-EV-K-	TE-N---	ICQ---	E--K-K---	LK-R---	WY.-D-	204
A. SE. SE6594	--VH-I-F-----	-W-----	I-F-----	F-----	D-EV-KD	TE-N---	ICQ---	E-K--K-K---	LK-L-C-K---	FY.-D-	205
A. SE. SE7253	--V-N-----	-W-----	T-----	F-----	D-EV-Q-	E-N---	MCQ---	E-K-T-R---	LR-R-Q-M---	FY.-D-	204
A. SE. SE7535	--VH-----	-W-----	I-----	F-----	D-EVKKD	TE-N---	MCQ---	E--K-K---	LK-R-Q---	FY.-D-	204
A. SE. SE8131	--V-N-----	-WH-----	I-----	F-----	D-EV-K-	TE-N---	MCQ---	E--T-M-K---	PH-K-R-F---	Y.-D-	209
A. SE. SE8538	--V-N-V-----	-W-----	T-----	F-----	EEV-K-	E-N---	ICQ---	E--T-M-K---	K-LK-R-H---	Y.-D-	204
A. SE. SE8891	--V-N-----	-W-----	T-F-----	F-----	D-EV-K-	TE-N---	ICQ---	E--T-M-K---	LT-R---	FY.-D-	204
A. UG. 92UG037	--V-N-----	-W-----	I-----	F-----	DE-EV---	TG-N---	ICQ---	E-K-T-R-K---	S-RV-K---	FY.-D-	215
A. UG. U455	--V-F-----	-W-----	I-----	F-----	DAEV---	TG-N---	ICQ-V-E-	K--M-K---	T-LK-R-Y---	FY.-D.KTA	208
CONSENSUS B	--V-----	-W-----	i-----	f-----	e-v---	e-n---	m---	k--v-k---	m---	y.-d-KTA	208
B. AU. MBC925	--V-----	-W-----	I-----	I-----	F-----	E-N---	M---	E---	M---	Y.-D-	206
B. CN. PRC8	--V-N-----	-W-----	T-F-----	F-----	D-EQV---	E-N---	M-Q-T---	M-K---	M-K---	Y.-D-	213
B. CN. RL42	--V-N-----	-W-----	T-F-----	F-----	D-EQV---	E-NC---	M-Q-A---	M-K---	I-M-M---	H.-D-	206
B. DE. D31	--V-N-----	-W-----	T-F-----	F-----	K-EQV---	E-N---	M---	V---	K-M---	Y.-KTA	208
B. DE. HAN	--V-N-----	-W-----	T-----	F-----	E.....	E-S	A-TE-T-	K-K--H-	K---	Y.-D-	200
B. DE. HEI4BL	--V-N-----	-W-----	F-----	F-----	A-E-	E-H	I-E-N-	N---	M---	Y.-D-	205
B. ES. 89SP061	--VH-----	-W-----	I-----	F-----	E-V---	E-NR---	E---	K--V---	VLR-M---	Y.-D-	206
B. ES. AF082386	--V-F-----	-W-G-----	F-----	F-----	V-----	E-NC---	M-Q-E---	M-K--H-	R-D---	Y.-D-	213
B. FR. NE100	--V-N-----	-W-----	I-W-L-	F-----	EQV---	E-N---	M-Q-E---	K--V-K--S-	K---	Y.-D-	206
B. FR. SWB884	--V-N-----	-W-----	I-W-P-	F-----	EQV---	E-N---	M-E---	K--V-K--S-	K---	Y.-D-	206
B. GA. OYI	--V-N-----	-W-----	I-C-	F-----	MD-QV---	E-N---	I---	K--V-K---	R-M-V---	Y.-D-	211
B. GB. GLNEF1	--V-N-----	-W-----	T-----	F-----	V-----	E-N---	M---	K--V-K---	RM-K---	Y.-D-	203
B. GB. MANC	--V-N-----	-W-----	R-I-	A-F-	D-EQV---	E-N---	M---	K--V-K---	PD---	Y.-D-	217
B. IN. HIVP35A	--V-N-----	-W-----	I-----	F-----	D-E-V-KY-	E-NC---	M-Q---	K--Q-K---	---	FY.-D-	215
B. IT. B. IT-R4	--VH-----	-W-----	I-----	F-----	E-V---	A-NC---	M-Q---	D-ND---	---	Y.-D-	207
B. KR. AF063915	--V-N-----	-W-----	I-----	F-----	E-V---	TV-RNC	MN---	---	M-K---	FY.-D-	206
B. KR. HIV298034	--V-F-----	-W-----	Q-T-F-	F-----	E-V---	E-N---	L---	K--V---	---	Y.-D-	207
B. NL. ACH3202A21	--V-N-----	-W-----	I-----	F-----	QE---	E-N---	M-Q---	---	M---	Y.-D-	206
B. NL. NEFE	--V-N-----	-W-----	T-----	L-----	E-----	E-N---	M---	G--K--S-	Q-K--Y-	Y.-D-	214
B. SE. AF047085	--V-N-----	-W-----	T-F-----	F-----	E-----	E-NC---	M-Q-E---	M-K---	I---	Y.-D-	206
B. SE. AF047082	--V-N-----	-W-----	T-F-----	F-----	D-V-V-	E-N---	M-E---	K--Q-K--H-	YR-M---	Y.-D-	207
B. SE. AF047083	--V-N-----	-W-----	T-----	F-----	KE-V-	E-TNN-	M---	Q-K---	M---	Y.-D-	205
B. TH. AF082838	--V-N-----	-W-----	T-----	F-----	E-Q-	PE-NC-	MN---	K--K--K-	R---	Y.-D-	206
B. TH. AF082839	--V-N-----	-WH-----	I-----	F-----	E-----	E-NC---	I-I---	Q-K---	---	Y.-D-	205
B. TH. AF082841	--V-N-----	-W-----	I-----	F-I-ID-	QV---	TD-DR-	M---	M-K---	M---	Y.-D-	214
B. TH. 28-19	--V-N-----	-W-----	T-----	F-----	ELV---	E-N---	M-Q---	M-K---	M---	Y.-D-	220
B. TW. LM49	--V-F-----	-W-----	T-----	F-----	EQV-K-	E-C---	M-Q---	K--V---	T-R---	Y.-T-	208
B. US. JRFL	--V-N-----	-W-----	I-F-----	F-----	E-V---	E-NC---	M-Q-IE	K--V---	K---	Y.-D-	216
B. US. MNCG	--V-N-----	-W-----	I-----	F-----	E-----	NC---	M-Q---	V-KS--H-	Q-Y---	Y.-N-	208
B. US. NEF226B	--V-N-----	-W-----	I-----	F-----	EQV---	TQ-SNC-	MNQ---	K--Q--G-	Q-M--K---	DR.-	204
B. US. P102A13	--V-N-----	-W-----	I-----	F-----	EEV-K-	TE-NC-	MNQ---	K--M-K---	Y-T--K---	Y.-D-	209
B. US. RF	--V-N-----	-W-----	T-----	F-----	V-----	TE-N---	IC---	K--V-K---	---	Y.-D-	208
B. US. SF2	--V-N-----	-W-----	I-----	F-----	E-V---	E-N---	M-E-A-	K--V--K-	M---	Y.-D-	210
B. US. WEAU160	--V-F-----	-W-----	T-C-	F-----	E-V---	E-N---	M-H-	K--M-K--K-	---	Y.-D-	204
CONSENSUS C	--V-----	-W-----	f-----	D-reV-	e-nc	m-q	e-eh-	k-k--h-	hr-m---	Y?-d-	205
C. BR. 92BR025	--V-N-----	-W-----	F-----	F-----	D-REV-	T-N---	M-E-SH-	Q-K--L-	RR-M---	Y.-D-	206
C. BW. 96BW01B21	--V-N-V-----	-W-----	T-----	F-----	D-REV-	SE-DNC-	M-Q-E-EH-	K-K--Q-	RR-M---	Y.-D-	207
C. BW. 96BW0402	--V-N-----	-W-----	T-----	F-----	D-KEV-	E-NR---	M-E-AD-	G--R-K--H-	HR-M---	Y.-D-	207
C. BW. 96BW15B03	--V-F-----	-WH-----	T-----	F-----	D-REV-N-	Q-HC-	M-Q-N-D-	K--M-K--H-	RR-M---	Y.-D-	207
C. BW. 96BW16B01	--V-N-R-FL-	-W-----	V-----	F-----	D-REV-E-	TQ-NC-	MNQ---	K-K--H-	RR-M---	Y.-D-	196
C. BW. 96BW17A09	--V-F-----	-W-----	T-----	F-----	D-REV-D-	E-NC---	M-Q-E-AD-	K-V--H-	RR-M---	Y.-D-	215
C. ET. ETH2220	--V-N-F-----	-W-----	T-----	F-----	D-SEV-I-	E-NC---	A-E-ED-	K-K--H--RR-	M---	Y.-D-	207
C. FR. HIV232966	--V-F-----	-W-----	T-----	F-----	D-KEV-N-	A-NC---	M-Q-IE-ED-	M-K--H--HR-	M---	Y.-D-	207
C. FR. HIV232973	--V-F-----	-W-----	L-----	F-----	D-REV-	EE-NC-	I-E-ED-	K--R-K--H--RR-	L-I--FY-	D.-	207
C. FR. HIV232979	--V-N-----	-W-----	LF-----	F-----	D-SEV-	E-NC---	M-Q-ED-	K-K--H--HK-	M---	Y.-D-	208
C. FR. HIV232980	--V-N-F-----	-W-----	T-----	F-----	D-REV-N-	E-NC---	M-IE-AH-	K--Q-K--L--HR-	M---	Y.-D-	213
C. FR. HIV232996	--V-N-----	-W-----	H-I-LF-	F-----	D-KEV-N-	TE-NC-	M-E-EH-	G--M-K--S-	HR---	Y.-D-	209
C. IN. 21068	--V-N-----	-W-----	T-----	F-----	D-REV-	---	DNC-CQ-	E-DH-N--V-K-	Q-HK-R---	FYN-D-	200
C. IN. 301904	--V-N-----	-W-----	T-----	F-----	D-REV-	---	DNC-CQ-	EH--Q-K--L-	HR-R---	FY.-D-	207

	Beta turn	SH3-binding	COP recruitment di-leucine	based AP recruitment V-ATPase and Raf-1 binding																							
B. FR. HXB2	LWIYHTQGYFP	D.QNYTPGGP	VRYPLTFGW	CYKLVVPVDPKIEEA	NKGGENTSL	LHPVSLHGMDDPE	REVLEWRFRSRLAFHHVARELHPEYF	KNC	205																		
C. IN. 301999	-V	-F	-W	-F	-D-REV	-E-NC	-CQ	-E-EH	-Q-K	-H-HR-M	-Y	-D	207														
C. IN. 94IN11246	-V	-F	-W	-T-F	-F	-D-REV	-E-DNC	-CQ	-E-DH	-M-K	.XO	-HR-I	-FY	-D	205												
C. IN. HIVY15117	-V	-F	-W	-F	-F	-D-KAV	-E-DNC	-CQ	-E-EH	-FM-K	-Q	-RR-MG-G	-FY	-D	199												
C. IN. HIVY17884	-V	-F	-W	-T-F	-F	-D-REV	-E-DNC	-CQ	-E-EH	-K-K	-Q	-RR-W	-FY	-D	211												
C. IN. HIVY17891	-V	-F	-W	-F	-F	-D-REV	-E-NC	-CQ	-E-EH	-Q-K	-Q	-HR-R	-FY	-D	207												
C. IN. HIVY17892	-V	-F	-W	-T-F	-F	-D-REV	-E-DNC	-CQ	-E-EH	-R-K	-Q	-LR-T	-FY	-D	207												
D. CD. 842R085	-V	-F	-W	-I	-FE	-D-EVV-K	-TE-DNC	-ICQ	-E-E	-K	-V	-N	-E-K-K-KY		215												
D. CD. ELI	-V	-N	-I	-W	-I	-E	-D-DEV	-D-TE-TN	-ICQ	-E	-Q	-K	-N	-E-K	-M	-FY	206										
D. CD. NDK	-V	-N	-I	-W	-I	-FQ	-D-DEV	-D-TER-DNC	-MCQQ	-E	-Q	-M	-N	-LE-K		-FY	-D	207									
D. UG. 94UG1141	-V	-F	-W	-I	-FE	-M-KEV	-N-TE-DNC	-INQ	-E	-V	-N	-E-K-KMK	-Y	-D	206												
F. CM. HIV232985	-V	-F	-W	-I	-L	-F	-D-EE-K	-E-NC	-I	-E	-ED	-R-K	-S	-LR	-R	-FY	-D	205									
F. CM. HIV232986	-V	-F	-W	-P-F	-F	-D-EEV-K	-E-NC	-M	-E	-DD	-K	-K	-Q	-LR	-I	-R	-Y	-D	205								
F. FR. HIV232987	-V	-F	-W	-I	-F	-D-EEV-K	-E-NC	-M	-Q	-E	-ED	-R	-E	-R	-I	-K	-FY	-D	205								
F1. BE. VI850	-V	-F	-W	-I	-L	-F	-D-EEV-K	-E-NC	-M	-Q	-E	-ED	-R	-K	-S	-LR	-I	-R	-Y	-D	205						
F1. BR. 93BR020.1	-V	-F	-W	-I	-M	-F	-D-EEV-K	-E-NC	-M	-Q	-E	-ED	-K	-E	-LR	-I	-R	-Y	-D	205							
F1. FI. FIN9363	-L	-X	-W	-X	-F	-EEV-K	-E-NC	-M	-Q	-E	-ED	-K	-E	-LR	-I	-R	-Y	-D	205								
F1. FR. MP411	-V	-F	-W	-I	-F	-D-EEV-K	-E-NC	-M	-Q	-E	-ED	-R	-E	-R	-I	-K	-FY	-D	205								
F2. CM. MP255	-V	-F	-W	-I	-L	-F	-D-EEV-K	-E-NC	-I	-E	-ED	-R	-K	-S	-LR	-R	-FY	-D	200								
F2. CM. MP257	-V	-F	-W	-P-F	-F	-D-EEV-K	-E-NC	-M	-E	-DD	-K	-K	-Q	-LR	-I	-R	-Y	-D	200								
CONSENSUS G	-V	-n	-f	-W	-t	-f	-md	-aEV	-n	-i	-CQ	-E	-ED?	-v	-S	-RR	-L	-Y	-D	206							
G. BE. DRCBL	-V	-F	-W	-T	-V	-F	-M	-SEV	-n	-ICQ	-E	-ED	-G	-V	-S	-RR	-L	-Y	-D	206							
G. FI. HH8793	-V	-N	-F	-W	-T	-F	-E	-D-AEV	-ITE	-I	-ICQ	-E	-E	-EDX	-R	-X	-S	-RR	-L	-Q	-FY	210					
G. ML. HIV232990	-V	-N	-F	-W	-T	-F	-F	-MD-AEV	-N	-N	-ICQ	-E	-TD	-V	-S	-RR	-I	-Y	-D	207							
G. NG. 92NG083	-V	-N	-F	-W	-T	-L	-F	-MD-AE	-N	-I	-ICQ	-E	-ED	-V	-N	-S	-RR	-L	-Y	-D	207						
G. NG. HIV232991	-V	-N	-F	-W	-I	-F	-LD	-TE	-N	-N	-CQ	-LE	-ED	-V	-S	-RK	-I	-L	-Y	-TD	207						
G. NG. HIV232992	-V	-N	-F	-W	-I	-F	-MD	-AE	-N	-N	-ICQ	-E	-ED	-V	-S	-RR	-L	-Y	-D	207							
G. SE. SE6165	-V	-N	-F	-W	-T	-F	-MD	-AEV	-N	-N	-ICQ	-E	-ED	-V	-S	-RR	-I	-Y	-D	207							
H. BE. VI991	-V	-N	-F	-W	-E	-F	-D	-QDV-K	-E	-N	-MCQ	-IE	-M	-K	-LR	-R	-K	-FY	-D	207							
H. BE. VI997	-V	-N	-F	-W	-EG	-F	-I	-D-DEV-R	-E-NC	-Y	-ICQ	-E	-E	-G	-M	-K	-T	-T	-K	-FY	-D	207					
H. CD. HIV232994	-V	-N	-F	-W	-F	-D	-QEV-Q	-E-NC	-Y	-ICQ	-E	-ED	-K	-T	-RR	-M	-FY	-D	213								
H. CD. HIV232995	F	-V	-N	-F	-W	-K	-F	-D	-LEV-R	-E-NC	-ICQ	-E	-ED	-M	-K	-H	-R	-R	-FY	-D	212						
H. CF. 90CF056	-V	-N	-F	-W	-E	-F	-F	-N	-QEV-Q	-E-NC	-M	-E	-DG	-M	-K	-LT	-L	-VK	-D	206							
J. SE. SE9173	-VHN	-F	-W	-TQ	-F	-D	-SEV	-E-NC	-ACQ	-IE	-E	-K	-K	-S	-RR	-I	-FY	-D	203								
J. SE. SE9280	-VHN	-F	-W	-I	-C	-F	-D	-SEV	-E-NC	-ICQ	-IE	-E	-Q	-K	-S	-RR	-I	-FY	-D	203							
K. CD. EQTB11C	-V	-F	-W	-I	-C	-F	-D	-REV	-TE	-NC	-NQ	-E	-EH	-K	-K	-S	-RK	-M	-Y	-D	205						
K. CM. MP535	-V	-F	-W	-I	-C	-F	-D	-AEV	-T	-TE-DNC	-INQ	-E	-EH	-I	-M	-K	-S	-RR	-D	-Y	-D	214					
N. CM. YBF30	-M	-IL	-WH	-I	-V	-F	-LS	-AEV	-E	-D	-NA	-ICQ	-A	-DH	-K	-V	-S	-RR	-FY	212							
O. CM. ANT70C	-V	-N	-F	-W	-T	-F	-LF	-SEEEA	-RLG	-TC-RAN	-ACA	-FE	-TH	-K	-I	-M	-K	-RS	-GNT	-MIT	-L	-Q	-D	-KLL	216		
O. CM. MVP5180	-V	-N	-F	-W	-C	-P	-F	-LF	-S	-AEV	-RLG	-TN	-DA	-ACN	-AE	-AH	-G	-I	-K	-Q	-RS	-GLT	-I	-LQK	-L	-PKL	212
CRF01_AE. CF. 90CF40	-VHN	-F	-W	-I	-C	-F	-D	-REV	-D	-NC	-M	-Q	-I	-D	-M	-K	-S	-RR	-I	-Y	-D	211					
CRF01_AE. FR. HIV232	-V	-N	-F	-W	-I	-C	-F	-DT	-GEV	-D	-NC	-M	-Q	-LE	-E	-M	-K	-A	-RK	-I	-D	-Y	-D	204			
CRF01_AE. FR. HIV232	-V	-F	-W	-I	-C	-F	-D	-RE	-D	-NC	-M	-Q	-IE	-E	-M	-K	-A	-RT	-T	-Y	-D	206					
CRF01_AE. FR. HIV232	-V	-N	-F	-W	-I	-C	-F	-D	-GEV	-D	-NC	-M	-Q	-IE	-E	-M	-K	-A	-RK	-I	-Y	-D	204				
CRF01_AE. TH. 1-2	-V	-N	-F	-W	-I	-C	-F	-D	-REV	-KD	-E-NC	-M	-Q	-IE	-E	-M	-K	-A	-RK	-I	-M	-FY	-D	204			
CRF01_AE. TH. 11-31	-V	-N	-F	-W	-I	-C	-F	-D	-GE	-D	-NC	-M	-Q	-I	-M	-K	-A	-RR	-I	-Y	-D	206					
CRF01_AE. TH. 122-21	-V	-N	-F	-W	-I	-C	-F	-D	-REV	-D	-NC	-M	-Q	-IE	-ED	-K	-M	-K	-A	-RK	-I	-FY	-D	204			
CRF01_AE. TH. 18-47	-V	-N	-F	-W	-I	-C	-F	-D	-REV	-D	-ED-NC	-M	-Q	-IE	-D	-M	-K	-A	-RK	-I	-Q	-FY	-D	204			
CRF01_AE. TH. 235-3	-V	-N	-F	-W	-I	-C	-F	-D	-REV	-D	-E-NC	-M	-Q	-I	-E	-M	-K	-A	-RK	-I	-FY	-D	204				
CRF01_AE. TH. 93TH25	-V	-F	-W	-I	-C	-F	-D	-REV	-D	-NC	-M	-Q	-IE	-E	-I	-K	-A	-RR	-I	-R	-FY	-D	204				
CRF01_AE. TH. 98-4	-V	-N	-F	-W	-I	-C	-F	-D	-GEV	-D	-NC	-M	-Q	-VE	-E	-M	-K	-A	-RR	-I	-R	-Y	-D	200			
CRF01_AE. TH. CM240	-V	-N	-F	-W	-I	-C	-F	-D	-QEV	-D	-NC	-M	-Q	-IE	-E	-M	-K	-A	-RK	-I	-Q	-Y	-D	204			
CRF02_AG. FR. DJ263	-V	-F	-W	-T	-F	-FN	-E	-ID	-AE	-E	-N	-ICQ	-E	-ED	-V	-S	-RT	-R	-Y	-D	206						
CRF02_AG. FR. DJ264	-V	-F	-W	-T	-F	-E	-MD	-AEV	-E	-N	-ICQ	-E	-ED	-V	-S	-RR	-I	-R	-FY	-D	206						
CRF02_AG. NG. IBNG	-V	-N	-F	-W	-T	-F	-F	-MD	-AEV	-E	-N	-ICQ	-E	-DD	-I	-R	-T	-Y	-D	206							
CRF03_AB. RU. KAL15	-V	-F	-W	-I	-F	-D	-AEV	-TE	-N	-ICQ	-E	-K	-M	-K	-LT	-R	-FY	-D	202								
CRF04_cpx. CY. 94CYO	-V	-F	-W	-E	-F	-C	-F	-D	-QEV	-TE	-C	-I	-Q	-E	-E	-K	-K	-YK	-FY	-D	219						
CRF04_cpx. GR. 97PVC	-V	-N	-F	-W	-E	-F	-C	-F	-D	-QEV	-E	-NC	-I	-Q	-E	-E	-K	-K	-I	-FY	-D	213					
CRF04_cpx. GR. 97PVM	-V	-N	-F	-W	-T	-F	-C	-F	-D	-QEV	-I	-TA	-DNC	-I	-Q	-E	-E	-K	-K	-L	-YR	-M	-FY	-D	210		
CPZ. GA. CPZGAB	-V	-F	-W	-T	-T	-F	-C	-F	-L	-TEEQV	-Q	-E	-D	-NC	-ICQ	-E	-ED	-K	-V	-LR	-I	-Q	-Y	-D	205		
CPZ. US. CPZUS	-V	-F	-W	-I	-W	-Y	-F	-L	-TEEEV	-Q	-TNI	-MCQ	-E	-EH	-G	-I	-Q	-TE	-RR	-R	-K	-R	209				



INTENTIONALLY BLANK